

ANÁLISE DA VARIAÇÃO GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE *Ilex paraguariensis* St. Hil. UTILIZANDO MARCADORES RAPD.

L.C. Friedrich¹; A. Gonela²; M.C. Gonçalves Vidigal³; P.S. Vidigal Filho²; E.L. Cardozo Junior³; M.Y. Kvistchal⁴; I.A. Sturion¹

¹Universidade Paranaense (UNIPAR), Departamento de Farmácia, Avenida Parigot de Souza, n.º 3.636, Jardim Prada, CEP 85903-170, Toledo, Paraná, Brasil. E-mail: julianafriedrich@ibest.com.br

²Universidade Estadual de Maringá (UEM), Departamento de Agronomia, Avenida Colombo, n.º 5.790, CEP 87020-900, Maringá, Paraná, Brasil. (3)Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural (Epagri), Rua Alcides Tombini, n.º 33, Paraíso, CEP 89500-000, Caçador, Santa Catarina, Brasil. (4)Embrapa Florestas, Estrada da Ribeira, Km 111, CP 319, CEP 83411-000, Colombo, Paraná, Brasil.

O objetivo do presente trabalho foi analisar a variação genética entre cinco procedências distintas de erva-mate (Pinhão, Quedas do Iguaçu, Ivaí, Cascavel e Barão de Cotegipe), mediante utilização de marcadores moleculares RAPD. Um total de 80 progênies foi avaliado utilizando-se 20 *primers* RAPD. Os *primers* empregados geraram um total de 254 fragmentos amplificados (94,89% polimórficos) e o tamanho das bandas variou de 300 pb a 3.533 pb. Constatou-se maior variabilidade genética dentro das procedências (92,00%), ou seja, entre as progênies. A combinação mais similar ocorreu entre os acessos 47 (progênie C 4/4) e 48 (progênie C 4/6), com $d_{ii} = 0,913$, enquanto a combinação entre os acessos 4 (progênie AM 110/1) e 68 (progênie Q 65/6) foi a mais dissimilar, com $d_{ii} = 0,718$. Os resultados mostraram que ganhos apreciáveis podem ser obtidos a partir da seleção destes materiais, de forma a aprimorar os programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: erva-mate; marcador molecular; diversidade genética.